植 物 分 类 与 资 源 学 报 2012, 34 (6): 532 ~ 538
Plant Diversity and Resources DOI: 10.3724/SP.J.1143.2012.12144

经典植物分类学的发展与 iFlora*

方 伟, 刘恩德**
(中国科学院昆明植物研究所生物多样性与生物地理重点实验室, 云南 昆明 650201)

摘要: 简要介绍了经典植物分类的基础工作, 即鉴定、描述、命名和分类, 以及发展动向。作者认为计算机辅助鉴定 (如 delta-intkey) 将成为形态鉴定的常规手段; 模式识别技术是植物图像鉴定的发展方向; 突出物种遗传本质的分子鉴定将成为植物物种鉴定的核心。DELTA 系统或类似的符合计算机逻辑的分类学描述语言将成为新一代植物志 (iFlora) 的基本语言。近 20 年来, 一些学者逐渐表现出对现行植物命名法规的质疑和修改意愿, 特别是生物法规草案 (Draft BioCode) 和谱系法规 (PhyloCode) 两个试行法规的诞生。它们促进对法规的革新与完善, 并在 iFlora 中得以体现。以 APG 系统为代表的分子系统发育研究已经成为植物系统分类研究的主流, 但在物种层面, 物种的界定仅仅依靠分子信息显然是不够的, 而必须运用综合的特征性状信息进行分析解读, 真正实现物种在形态、遗传信息等综合性状的融合统一。了解和掌握这些新的技术和研究成果, 无疑对于 iFlora 设计和编研有着重要的参考意义, 而基于新技术和新理念的 iFlora 也将成为植物分类最新发展成果的集中体现。

关键词: 经典分类; 植物鉴定; 形态描述; 植物命名; 系统分类; 新一代植物志
中图分类号: Q 949, Q 948.2 **文献标识码**: A **文章编号**: 2095-0845(2012)06-532-07

The Development of Classical Plant Taxonomy and iFlora

FANG Wei, LIU En-De**
(*Key Laboratory of Biodiverstiy and Biogeography*, *Kunming Institute of Botany*, *Chinese Academy of Sciences*, Kunming, 650201, China)

Abstract: The paper briefly introduces four basic parts in classical plant taxonomy: identification, description, nomenclature and classification. First, identification: Interactive identification (like *delta-intkey*) is one mean of morphological identification; pattern recognition could be applied to photographic identification; the core of species identification is the molecular identification which reveals the hereditary essence of species. Second, description: DELTA System or analogous systems whose language is aligned with logical computer will be the basic language of the next-generation Flora (iFlora). Third, nomenclature: the last 20 years have witenessed some challenges and the desire for change of the ICBN (International Code of Botanical Nomenclature, which is now the International Code of Nomenclature for Algae, Fungi, and Plants). Two typical examples are the Draft BioCode and PhyloCode. The attempts will promote the change of nomenclatural rules, which likely to be reflected in iFlora. Fourth, classification: the molecular phylogenetic systems, represented by the APG System (progressing through APGI, II, and III), is becoming the dominant system of plant classification. However, at the species level, the genetic information cannot stand alone for the definition of a species. We need access to comprehensive information of characters, which will also promote the uniting of morphological traits, genetic traits, distribution data and other information. Familiarization with and mastering of these new techniques and ideas are essential. Undoubtedly, this integration will provide an im-

* 基金项目: 国家科技部科技基础工作专项项目; 国家高科技研究发展计划 (863 计划) (2012AA021801); 中国科学院大科学装置开放研究项目 (2009-LSFGBOWS-01)
** 通讯作者: Author for correspondence; E-mail: liuende@mail.kib.ac.cn
收稿日期: 2012-11-05, 2012-11-09 接受发表
作者简介: 方 伟 (1981-) 男, 硕士, 主要从事植物分类学研究。E-mail: fangwei@mail.kib.ac.cn

portant reference point for the design and compilation of the iFlora. In the coming decade, iFlora will be the embodiment of the achievements of modern plant taxonomy.

Key words: Classical taxonomy; Description; Identification; Nomenclature; Systematics; iFlora

经典植物分类（Classical Plant Taxonomy），并不是正式的植物学科门类，对于植物分类学家而言，它是指依据植物的外部形态和内部解剖特征，结合地理分布，对种类进行鉴定、描述、命名和分类的研究工作。这些工作自林奈以来一直是植物分类研究的核心。随着科学的发展，特别是从 20 世纪五六十年代开始，细胞分类学、化学分类学、超微结构、分子标记、基因测序等新技术和新方法的快速涌现，表征分类、数量分类、系统发育分类等新思想的逐渐成熟，植物分类学（Plant Taxonomy）进入一个系统和综合研究时期，研究的领域也更加宽泛。现今，学者们已习惯于将现代的研究内容和方向称为“植物系统学（Plant Systematics）”。而传统的植物分类学研究内容，则冠之以“经典”。

经典植物分类中种类的鉴定、描述、命名和分类工作，仍然是植物系统学和相关学科研究的基础。植物学家们已经完成了世界上部分高等植物的鉴定和命名工作，给予了它们相对完整的形态描述，并建立了若干的植物分类系统，但这些研究工作有待完善，而且在一定程度上已不适应现代科学发展和社会生产生活的需要，经典植物分类亟待于革新和发展。新一代植物志（iFlora）可以认为是“传统”植物志在分类学、分子生物学、植物系统学以及生物多样性信息学和计算机科学综合交叉应用方向上的延伸（李德铢等，2012）。

植物志是经典植物分类研究成果最为重要和集中的展现方式。传统的植物志是一部书籍专著，内容包括植物名称、分类归属、地理分布、生境、形态描述、标本依据及其它相关信息。然而书本毕竟篇幅有限，内容也难以及时再版更新。iFlora 则基于电子载体，内容的存贮和更新几乎不受限制，且信息模块的架构、内容的检索及展现也完全不同于纸质载体而更加“智能”。事实上，iFlora 与经典植物分类的关系不会仅止于将传统植物志电子化，它所带来的影响将很可能改变我们对于经典植物分类学的认知。本文拟探讨经典植物分类的四项基础工作：即鉴定、描述、命名和分类，及其在现代生命科学技术和信息高度发展背景下，所面临的、以及将要发生的一些变化，这些变化将在未来的 iFlora 中得到体现。

1　鉴定（Identification）

鉴定是植物分类学最基本的一项工作，它的基本涵义是指按照个人的见解决定两个东西是相同或不相同的过程（Jeffrey，1982）。人们可以不必具备专业知识，仅根据个人判断，完成植物的识别鉴定。但为了实现相互的交流以及知识的传播，人们需要一个共同认可的客观依据和通用的评判标准，据此得到的鉴定结果才能被大家所接受，于是就有了分类学的植物鉴定。分类学鉴定是建立在植物分类学的科学体系基础上，数代植物分类学家为这门学科制定了完善的规范术语，对数量庞大的物种进行了描述、命名和分类，并构建了不断更新的系统框架。正是由于他们的工作，准确、客观的物种鉴定才成为可能。

传统的植物鉴定，主要是依据植物的形态特征，参考地理分布，以分类检索表为路径，在植物志书中进行物种匹配的过程。由于需要有较强的专业背景，鉴定的准确性和效率完全取决于鉴定者对专业技能和知识的掌握程度，因此，它可能只是少数人的“专利”。然而在现代社会的各个领域、生活的各个方面，对物种鉴定的需求越来越多，这就要求有更宽阔便捷的途径使人们获得准确的植物鉴定结果。植物的鉴定大体有三条途径：形态-地理鉴定、图像鉴定和分子鉴定。

1.1　形态-地理鉴定

传统的鉴定以形态特征为主，分类检索表在鉴定过程中扮演着重要的角色。一般情况下，鉴定者会对未知植物（或标本）的形态性状进行识别确认，依照分类检索表提供的性状特征，按单路径或多路径逐一进行对应匹配，最终获得的检索结果即是完全匹配这些特征的某一分类群，鉴定即告完成。现在使用的大多数检索表是易于平面展现的二歧（单路径）检索表，但其缺陷在于：检索必须按预设的路径进行，路径的每一

步都必须在成对的排斥性特征中选择其一，如果在某一步待鉴定植物材料对应的特征信息缺失或不明确，检索则无法向前继续而导致鉴定失败，这在植物鉴定实践中时常发生。而使用多路径检索表则很大程度上降低了这种“检索中断”的风险，检索表使用者可以决定使用性状特征的顺序（即自行决定检索的路径），即使一些性状信息缺失，仍然可以选取其他性状继续进行检索。

由于多路径检索表在纸页上不便于展现，因而它在传统的植物志书或专著中的使用并不普及。只有在计算机环境下，多路径检索才能充分发挥它的优势，也成为计算机交互式鉴定的一项基本原理。一个较为广泛使用的多路径（交互式）检索程序是 Delta-Intkey（Dallwitz 等，2002）（http://www.delta-intkey.com/），它基于 DELTA（Description Language for Taxonomy）系统（Dallwitz，1974）进行编制。类似的交互式检索程序（如 ActKey）也应用于英文版《中国植物志》（http://flora.huh.harvard.edu/china/ActKey/）。

1.2　图像鉴定

在无法获得活植株或标本的情况下，通过拍摄的植物图片进行一定程度地鉴定的确是一种非常受欢迎的方式，特别是在网络信息传输如此便捷的今天。虽然它同样要求鉴定人有丰富的分类鉴定经验，且图片无法“解剖”，细节特征也可能没拍到或看不清楚，因此，在很大程度上，图像鉴定不被传统的植物分类学家视为严谨的植物鉴定手段。事实上，植物鉴定本身就是一种实用技术，需要在快速和有效之间达成平衡，即便是最为权威和准确的鉴定，如果需要漫长的等待，那么鉴定结果很可能已经失去了意义。

尽管图像鉴定十分便捷，但它仍然依赖于专家对被鉴定对象的形态特征的把握，从本质上讲，它仍然是一种形态鉴定。但技术的发展远不止于此，计算机的模式识别（pattern recognition）技术可能使植物鉴定最终摆脱分类专家的“束缚”。模式识别技术，诸如人脸识别、指纹识别等，在个人的身份鉴别方面已经有了非常广泛而重要的社会应用，在植物识别领域也同样适用。

植物的形态是一个复杂而有规律的“显性”（已被分类描述）和“隐性”特征的集合。对于任一物种而言，抽提出用于分类描述的性状特征都是较为显著和十分有限的，更多的“隐性”特征只留存于观察者的感官（主要是视觉）而难以名状，对于植物而言，“隐性”特征通常是形状、颜色、位置及关系等要素。应用计算机模式识别技术，对大量植物种类进行全方位的特征（特别是“隐性”特征）提取、度量以及数学建模，是可以实现对植物图像（种类）的计算机自动识别和分类的。

尽管繁殖器官是最为主要的植物形态鉴定依据，但营养器官，如植物的叶片形态则更易于开展植物的模式识别技术研究（Fuller 和 Hickey，2005；Runions 等，2005；Wu 等，2007）。不同种类的叶片，其叶形既有形态上的统一，也存在种间的变异，并且这种变异具有系统亲缘上的意义。叶结构特征，包括叶片的大小、叶柄的长短、叶缘的曲线和锯齿、叶基和叶尖的角度及偏斜，以及叶的脉序特征等，这些特征的集合分析具有重要的鉴定参考意义。叶结构分析是古植物学中一门重要的化石鉴定技术，已经建立起了完备的术语体系和分析方法，并且叶结构数据也在逐步积累（Hickey，1973，1979，1991；Ellis 等，2009；Lu 等，2012）。将模式识别技术与这些研究工作进行交叉结合，有可能开辟智能植物鉴定的新局面。

1.3　分子鉴定

分子鉴定是准确地确定生物个体之间是否相同的一种方法，每种生物都有其独特、稳定的 DNA 序列。现代分子技术已经可以很容易的获取生物 DNA 序列的编码信息，并进行序列相似性比较，从而确定两个生物体是否相同或在多大程度上相似。但难题在于目前还没有为全世界的物种建立起统一的 DNA 档案，可以很容易的获得未知植物材料的 DNA 序列信息，却没法在物种档案进行查询、比对。因此，当务之急是在植物志书的基础上，为每一植物种类建立 DNA 身份档案。

在更高效、成本更低廉的下一代基因测序技术普及之前，现阶段只有在全基因序列中选取一个或几个代表性的 DNA 片段（DNA 条形码，DNA barcoding）来构建物种的 DNA 身份识别库。动物拥有线粒体基因 *Cox1* 基因片段可作为理想的 DNA 条形码，但对于植物而言，选择合适的 DNA 片段用作条形码仍然面临一些问题。目前，*rbc*L

+*mat*K 已成为第三届国际生命条形码大会确定的核心 DNA 条形码，中国植物条形码研究团队（China Plant BOL Group）建议将 ITS 加入种子植物的核心 DNA 条形码（*rbc*L+*mat*K+ITS）（Li 等，2011）。

要建立植物物种 DNA 档案库，首先需要获取每一物种的 DNA 样品，这又涉及 DNA 样品的鉴定问题。由于目前植物物种大都是基于形态特征来定义的，因此样品的准确鉴定还须依赖于形态鉴定（尽管借助序列比对或构建基因树对物种鉴定结果进行评估、检验可以起到一定的鉴定辅助及核证作用），且需要异常的谨慎，因为一旦样品鉴定错误，该物种的 DNA 身份也将存在问题。面对如此繁多的植物种类，如何获得全部物种的 DNA 样品，又如何保证样品的鉴定准确呢？这无疑是个艰巨的基础工作。

标本馆的馆藏标本可能是一条有效获取 DNA 样品的途径。经过几代人的努力，全世界各大植物标本馆获得了巨量的植物标本，这些标本不仅是物种定名的基础，也是植物志编研的基础，其中相当一部分经过了准确鉴定。但面临的问题是，由于压制时的烘烤或是长期的存放，植物标本多数都有不同程度的 DNA 降解或破坏。因此必须谨慎地进行试验，确定从标本上可以有效提取出合格的 DNA，以免造成珍贵标本的无谓损坏。Staats 等（2011）对标本的 DNA 质量及其 PCR 扩增效果的研究表明，从馆藏标本上是可以获取可靠的 DNA 序列信息的，特别是采用硅胶快速干燥（而非高温烘烤）标本将显著改善提取的 DNA 质量（Chase 和 Hills，1991）。

如果从馆藏标本上提取 DNA 形成共识，那么模式标本做为供试材料就需要重点考虑。模式标本与给予它的物种名称连在一起，除非模式标本本身出现混杂（即：同份/同号标本实际为不同种类的植物材料组成，这在草本植物类群中较容易出现），从模式标本上是可以放心地进行 DNA 取样，而不用担心物种鉴定的问题。当然，任何标本馆对于模式标本的管理都异常严格，如果因为 DNA 取样而造成模式标本的损坏，是必须杜绝的。随着下一代基因测序技术的发展，可能只需微量 DNA 样品就可实现有效扩增和测序，这将进一步增加使用模式标本的安全性和有效性（Metzker，2010）。

在目前条件下，DNA 样品的获得主要还是依赖于常规的野外采集。一个有利的条件是，目前世界上许多国家和机构都非常重视生物种质资源的保护和保存，并采取实际的行动开展种质资源的收集。以中国西南野生生物种质资源库为例，对我国珍稀濒危、特有和具重要经济价值的植物物种的种质资源（包括种子、离体材料、DNA 材料等）进行了抢救性的收集和保存，目前，已完成约 7 500 个植物物种的种质资源收集和妥善保存，为逐步建立中国植物物种的 DNA 身份档案奠定了坚实的基础（杨湘云等，2012）。

综上所述可以看出，iFlora 优于传统植物志的一个重要方面在于，借助其海量的信息库和完善的智能设计，能有效的满足更多普通人进行快速准确的物种鉴定识别以及物种信息查询的需求。毫无疑问，丰富的鉴定手段将使鉴定结果更加客观而值得信赖。在 iFlora 的设计中，基于计算机交互式检索的形态鉴定手段将继承和发展传统的形态鉴定方法；植物图像的智能模式识别则让鉴定者对物种本身有更为直观的形象认知；而随着物种的 DNA 档案库构建和不断完善，iFlora 将在未来植物物种的鉴定中担负着重要角色。

2　描述（Description）

植物分类学经过几百年的发展，已经建立起了较为完善和规范的描述植物形态的术语体系，若掌握了整套的术语，几乎对任何植物分类群都可以进行较准确的形态描述。它以拉丁语作为国际正式通用的标准语言，为了方便交流和使用，各国又依据本国语言制定的术语体系也已逐步完善。传统的植物形态描述采用的是文本表述方式，它符合人们的语言和逻辑习惯，但却难于被计算机所分析和解读。因此，科学家需要将文本表述的方式转换成符合计算机逻辑的代码形式进行分类群的形态学描述。

DELTA 系统（Dallwitz 等，2002）即是基于上述目的建立起来的。该系统旨在对现有的分类学描述的性状和逻辑关系进行标准化的编码处理，使之能方便地应用于计算机的程序解读、数据对比及统计分析。就内容而言，DELTA 系统的建立并不增加植物分类学的内容，但却开辟了计算机在植物分类应用上的广阔空间。它可以容

易的生成文本表述形式的传统植物志书，以供人们阅读；也可以方便地进行数据输出，应用于植物系统发育分析或是广泛性的统计分析；此外，该系统也为计算机交互式鉴定程序的开发奠定了基础。目前，DELTA系统已被国际分类学数据库工作组定为数据交换的标准。iFlora在智能设计上的突破，在很大程度上依赖于基础的数据操作平台。显然，iFlora的编写语言有别于传统的文本表述，而需要借鉴或参照DELTA系统来构建其数据操作平台。

3　命名（Nomenclature）

现行的植物命名体系最初由瑞典博物学家林奈所创立，其核心是双名法和等级命名系统。《国际植物命名法规》（International Code of Botanical Nomenclature，ICBN）——现称为《国际藻类、真菌和植物命名法规》（International Code of Nomenclature for Algae，Fungi，and Plants，ICN），继承了林奈命名体系，经过不断的修订和完善，成为全世界植物学家所共同遵循的植物命名规范。

《国际藻类、真菌和植物命名法规》旨在提供一个稳定的命名分类群的方法，避免和杜绝使用那些可能引起错误、模糊和混淆的名称；同时也为了避免无用名称的产生。命名分类群的目的不是为了表明其特征或历史，而是为了提供一个称呼分类群和表明其分类等级的方法（McNeill等，2006）。命名法规主要是以实用为原则，其分类学框架从法规制定之初就已奠定。随着人们对分类学认识的加深，一方面，分类学者对命名法规的内容要求更加细致和广泛；另一方面，一些学者也对现行的命名法规体系提出反对意见或修改意愿。

目前，根据生物命名的对象，分别制定了5个不同的国际命名法规：《国际藻类、真菌和植物命名法规》（ICN）、《国际栽培植物命名法规》（ICNCP）、《国际动物命名法规》（ICZN）、《国际细菌命名法规》（ICNB）、以及《国际病毒分类和命名法规》（ICVCN）。不同的命名法规，其制定的依据、遵循的规则惯例以及具体的名称形式上多有不同。然而，很多时候我们并不清楚所使用的生物学名的分类隶属关系，这容易导致规则引用的错误或混淆。因此，建立一个统一的生物命名法规成为共识，“生物法规草案（Draft BioCode）”即是这方面工作的进展（Greuter等，1996，2011；Hawksworth，2011），尽管目前并没有得到广泛接受。

植物系统发育的研究，不仅深化了对植物类群演化的理解，而且还包括对现行植物命名体系的质疑。“门、纲、目、科、属、种”的等级分类系统因其清晰严谨的阶元架构，在植物命名法规的制定之初，提供了不可多得的理论平台。但主观的等级划分可能不完全符合植物系统发育客观事实，植物的系统演化树上，只有“进化支”和种，而没有等级。因此，一些学者开始依据植物系统发育的理论制定无等级的分类系统，以及与之相适应的植物命名法规，“谱系法规（PhyloCode）”，其概念由De Queiroz和Gauthier（1990，1992，1994）提出，其最新版本（Cantino和de Queiroz，2010）可从网上查阅：http://www.ohio.edu/phylocode，而反对它的意见（Benton，2000；Nixon和Carpenter，2000；Stuessy，2000，2001；Keller等，2003）也不亚于对林奈命名体系的质疑。

在可以预见的将来，“国际植物命名法规”仍然遵循现行的体系框架，主要的规则也仍然被继承和保留下来，但这些新的理念也会逐渐被合理地吸收、融合，形成一个更加稳固和完善的法规体系。iFlora是开放性的，其编研必须与现行的国际植物命名体系保持一致，但它也拥有充分的可塑性使之与时俱进，以适应未来命名法规的变革。

4　分类（Classification）

分类是经典植物分类研究的核心内容，始于人们对植物形态的辨识（即鉴定），如首先是对食物和草药的甄选，进而开始对一些重要的植物进行描述和命名，以便于相互交流和知识传播。随着认识的植物种类日益增多，人们开始有意识的对它们进行归类，并逐渐形成分类系统。最初的分类系统都是人为系统，建立在某种预先精选的、被作者认为是重要的特征基础之上的。随着对植物形态特征认识的加深，植物学家开始根据植物之间明显的形态相似特征进行植物的分门别类，形成了自然分类系统。在达尔文的进化论还没有产生，或未得到理解和运用之前，自然分类系统的理论基础仍然是不清楚和不明确的。直至

1859 年达尔文的《物种起源》发表，其进化论思想逐渐得到广泛的理解和认可，植物分类系统才真正进入系统发育研究阶段（Jeffrey, 1982）。

现代植物分类系统的建立是基于多学科信息的综合，其中又以分子系统学的研究为代表，被子植物系统发育研究组（Angiosperm Phylogeny Group, APG）的工作是这方面研究的典范。目前，由他们所提出并不断更新的 APG 系统（APG II & III）已成为被普遍接受的被子植物分类系统。尽管分子系统研究极大地促进了人们对植物类群演化的认识，但在物种层面，一些基本问题还没有得到解决，即：既然物种是客观存在的，我们如何给每一物种一个明确的“定义范围”作为鉴别的依据？早期运用形态学特征，现在通过分子手段分析不同的植物种类的变异范围，但并没有解决植物种间形态变异的连续问题，现在同样也面临种间的遗传变异如何间断的问题。况且，对于种间遗传变异的分析结果并不总能与形态性状研究的结果保持一致。因此，我们可能还需要折返回去，在系统发育的分类系统框架下，研究曾经定义的类群，直至每一个物种，分析它们的形态特征，探讨伴随物种生殖隔离而形成的性状演化。从这个角度来看，iFlora 将是一个理想的分子、形态等综合数据的研究平台。在这个平台上，每一植物种类得到更加全面、仔细的研究，物种间的界定会更加清晰、具有可操作性，而植物分类学的发展也将拥有一个更为稳固的物种基石。

5　展望

经典植物分类的发展方向变得逐渐清晰，新的机遇也预示着新的挑战，未来的工作更加艰巨。

5.1　新种的发表

长久以来，发表新种一直被视为植物分类学家的研究成果最为直接的体现，但未来它可能会变得更加不易，因为用新的方法和思路来鉴定、描述一个新物种，甚至连物种的命名方式也可能是新的。对于新种的发表，未来有三点要求可能是必须的：1）新种应该拥有尽可能完整的形态描述信息，且更为强调，不是基于一份或几份模式标本，而是基于单个居群（的多份标本），能够反映在居群内的形态性状变异幅度，这也恰恰遵循了关于分类学种的概念（Du Rietz, 1930），即“种是与其它居群永久隔离、在一系列生物型之间有明显间断性的最小居群”。2）新种原始的形态描述及其它信息，必须在权威的网络数据库中进行电子表格式的注册登记，其信息标准应遵循 DELTA 系统（或类似系统），方便数字化的档案管理和数据交换。这将促进全球统一的植物物种身份档案的建立。3）物种的 DNA 遗传信息的获取需要进一步加强。新种发表时，必须同时建立相应的 DNA 身份档案，这意味着新种的发表人需承担相应的新种 DNA 的测序工作。基于此三方面的发展需求，在未来应着力将 iFlora 塑造成为一个权威性的植物新种登记注册平台，并借此开展全面的物种信息比对和统计分析研究。

5.2　标本的采集

标本不仅是物种的凭证，同时也是重要的研究材料。首先，标本将普遍采用居群采集的方式，同号标本不同植株个体的采集份数将明显增加，并且在标本信息的收集中，居群信息受到重视。其次，标本不仅仅是指植物材料及植株、生境等附加信息，其分子材料、GPS 及图像信息应成为标本的必要组成。在标本采集过程中，凭证标本、标本信息、地理分布信息、分子材料、图像等要素共同构成一次完整的标本采集内容。实际上，这已成为目前很多标本采集者的通行做法。植物标本一直是传统植物志编研的原始信息来源，在未来 iFlora 的发展和定位中也担负着重要的作用。更广泛意义的标本采集将为 iFlora 提供丰富的实物和信息研究资源，而同时 iFlora 也为标本采集或植物资源搜集提供更加全面、科学的指导。

5.3　植物志的编研

植物志是植物物种信息库，方便人们准确的辨识各种植物，以及便捷地查找任一植物种类的物种信息。iFlora 是传统植物志在现代信息和技术发展下的必然产物，它强调建立统一、规范的物种身份档案（特别是在遗传信息方面），突出其在植物鉴定识别领域的应用前景，并借助信息技术整合所有物种信息资源，为科研和社会服务。

本文中所讨论的关于经典植物分类的鉴定、描述、命名及分类的研究工作的转变，与 iFlora 的研发有着密切的相关性。可以推想，DELTA 系统的分类学描述语言将可能成为 iFlora 的语言标准；由标本所承载的形态学描述和分子遗传信

息将是 iFlora 物种信息的两个支柱；物种鉴定的手段将愈加多样化，形态鉴定让我们体验更多的自然乐趣，图像的模式识别反映了人工智能所能达到的程度，分子鉴定则更接近于物种的遗传本质；iFlora 采用的分类系统必然更符合植物系统演化的规律，而植物的命名也将更加稳定和自然。因此，iFlora 必将为经典植物分类研究开创美好的未来。

致谢 感谢中科院昆明植物研究所彭华研究员和王红研究员在本文的撰写过程中提出的宝贵意见。

〔参 考 文 献〕

Benton MJ, 2000. Stems, nodes, crown clades, and rank-free list: is Linnaeus dead? [J]. *Biological Review*, **75**: 633—648

Cantino PD, de Queiroz K, 2010. International Code of Phylogenetic Nomenclature. Version 4c. http://www.ohio.edu/phylocode

Chase MW, Hills HH, 1991. Silica gel: an ideal material for field preservation of leaf samples for DNA studies [J]. *Taxon*, **40**: 215—220

Dallwitz MJ, 1974. A flexible computer program for generating identification keys [J]. *Systematic Zoology*, **23**: 50—57

Dallwitz MJ, Paine TA, Zurcher EJ, 2002 Onwards: Interactive identification using the internet. http://delta-intkey.com

De Queiroz K, Gauthier J, 1990. Phylogeny as a central principle in taxonomy: Phylogenetic definitions of taxon names [J]. *Systematic Zoology*, **39**: 307—322

De Queiroz K, Gauthier J, 1992. Phylogenetic taxonomy [J]. *Annual Review of Ecology and Systematics*, **23**: 449—480

De Queiroz K, Gauthier J, 1994. Towards a phylogenetic system of biological nomenclature [J]. *Trends in Ecology and Evolution*, **9**: 27—31

Du Rietz, 1930. Fundamental units of biological taxonomy [J]. *Svensk Botanisk Tidskrift*, **24**: 333—428

Ellis B, Daly DC, Hickey LJ *et al.*, 2009. *Manual of Leaf Architecture* [M]. Cornell University Press, Ithaca, NY

Fuller DQ, Hickey LJ, 2005. Systematics and leaf architecture of the Gunneraceae [J]. *The Botanical Review*, **71** (3): 295—353

Greuter W, Hawksworth DL, McNelli J *et al.*, 1996. Draft BioCode: The prospective international rules for the scientific names of organisms [J]. *Taxon*, **45**: 349—372

Greuter W, Garrity G, Hawksworth DL *et al.*, 2011. Draft BioCode (2011): Principles and rules regulating the naming of organisms [J]. *Bionomina*, **3**: 26—44

Hawksworth DL, 2011. Introducing the Draft BioCode (2011) [J]. *Bionomina*, **3**: 24—25

Hickey LJ, 1973. Classification of the architecture of dicotyledonous leaves [J]. *American Journal of Botany*, **60**: 17—33

Hickey LJ, 1979. A revised classification of the architecture of dicotyledonous leaves [A]. In: Metcalfe CR, Chalk L, *Anatomy of the Dicotyledon* (2nd ed.), vol. 1 [M]. Oxford: Clarendon Press, 25—39

Hickey LJ, Taylor RW, 1991. The leaf architecture of *Ticodendron* and the application of foliar characters in discerning its relationships [J]. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, **78**: 105—130

Jeffrey C, 1982. *An Introduction to Plant Taxonomy* (2nd ed.) [M]. London: Cambridge University Press

Keller RA, Boyd RN, Wheeler QD, 2003. Illogical basis of phylogenetic nomenclature [J]. *Botanical Review*, **69** (1): 93—110

Li DZ, Gao LM, Li HT *et al.*, 2011. Comparative analysis of a large dataset indicates that internal transcribed spacer (ITS) should be incorporated into the core barcode for seed plants [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, **108** (49): 19641—19646

Li DZ (李德铢), Wang YH (王雨华), Yi TS (伊廷双) *et al.*, 2012. The next-generation Flora: iFlora [J]. *Plant Diversity and Resources* (植物分类与资源学报), **34** (6): 525—531

Lu HF, Jiang W, Ghiassi M *et al.*, 2012. Classification of *Camellia* (Theaceae) species using leaf architecture variations and pattern recognition techniques [J]. *PLoS One*, **7** (1): e29704

Metzker ML, 2010. Sequencing technologies—the next generation [J]. *Nature Reviews Genetics*, **11**: 31—46

McNeill J, Brrie FR, Burdet HM *et al.*, 2006. International Code of Botanical Nomenclature (Vienna Code): Adopted by the Seventeenth International Botanical Congress Vienna, Austria, July 2005. Regnum Vegetabile 146. A. R. G. Gantner Verlag KG

Nixon KC, Carpenter JM, 2000. On the other "phylogenectic systematics" [J]. *Cladistics*, **16**: 298—318

Runions A, Fuhrer M, Lane B *et al.*, 2005. Modeling and visualization of leaf venation patterns [J]. *ACM Transactions on Graphics*, **24** (3): 702—711

Staats M, Cuenca A, Richardson JE *et al.*, 2011. DNA damage in plant herbarium tissue [J]. *PLoS One*, **6** (12): e28448

Stuessy TE, 2000. Taxon names are not defined [J]. *Taxon*, **49**: 231—232

Stuessy TE, 2001. Taxon names are still not defined [J]. *Taxon*, **50**: 185—186

Wu SG, Bao FS, Xu EY *et al.*, 2007. A leaf recognition algorithm for plant classification using probabilistic neural network [C]. Proceeding of 2007 IEEE International Symposium on Signal Processing and Information Technology. Cairo. Egypt: ISSPIT: 11—16

Yang XY (杨湘云), Cai J (蔡杰), Zhang T (张挺) *et al.*, 2012. The potential contribution of plant DNA barcoding and iFlora to plant germplasm conservation [J]. *Plant Diversity and Resources* (植物分类与资源学报), **34** (6): 539—545